

Mise en place d'une évaluation génomique en races Abondance, Tarentaise et Vosgienne Implementation of genomic selection in three French regional dairy cattle breeds

SANCHEZ M.P. (1), JONAS D. (1, 2), BAUR A. (1,2), DUCROCQ V. (1), HOZE C. (1,2), SAINTILAN R. (1, 2), PHOCAS F. (1), FRITZ S. (1, 2), BOICHARD D. (1), CROISEAU P. (1)

(1) GABI, INRA, AgroParisTech, Université Paris-Saclay, 78350 Jouy en Josas

(2) Aalice, 75595 Paris

INTRODUCTION

La sélection génomique est en place dans les races bovines Holstein, Montbéliarde et Normande depuis 2009 et en Brune (projet Intergenomics) depuis 2014. Dans les races régionales à effectifs plus réduits, il est difficile de disposer d'une population de référence (PR : animaux avec génotypes et performances) de taille suffisante pour obtenir des index génomiques assez précis pour la sélection.

Dans le cadre du projet GEMBAL, une évaluation génomique multiraciale a d'abord été testée pour les races laitières régionales en utilisant les génotypes Haute Densité (777K marqueurs SNP) des taureaux d'IA mais elle n'a pas abouti à des index génomiques suffisamment précis. Dans l'objectif de mettre en place une évaluation génomique intra-race, les professionnels des races Abondance (ABO), Tarentaise (TAR) et Vosgienne (VOS) ont étendu leurs PR en génotypant avec la puce 50K des vaches représentatives de la diversité raciale et disposant de performances pour les caractères évalués (projet G2R). Nous présentons ici les résultats de la première évaluation officielle qui a eu lieu en mars 2016 pour les 3 races régionales ABO, TAR et VOS.

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. ANIMAUX, PERFORMANCES ET TYPAGES

En mars 2016, la PR était constituée de 389 mâles et 2769 femelles en race ABO, 323 mâles et 1569 femelles en race TAR et 66 mâles et 1171 femelles en race VOS (Figure 1).

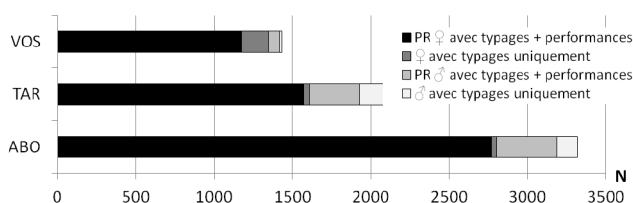


Figure 1 : Effectifs dans les races ABO, TAR et VOS

Dans les 3 races, l'évaluation porte sur 40 à 46 caractères disposant d'index polygéniques (production, fertilité, résistance aux mammites, morphologie, longévité), ainsi que divers composites. Les phénotypes des taureaux sont les performances moyennes de leurs filles non typées (DYD), corrigées pour les effets de milieu et pour la valeur génétique de leur mère. Pour les vaches, les phénotypes sont les performances propres (ou leur moyenne en cas de données répétées), corrigées pour les effets de milieu. Un poids n , qui mesure la quantité d'information, est affecté à chaque performance mâle ou femelle. Il est calculé à partir de la précision apportée par le phénotype (CD) et de l'héritabilité (h^2) du caractère : $n = CD(1-h^2) / h^2(1-CD)$.

Les typages ont subi divers contrôles : qualité (call rate > 95%), compatibilité avec parents typés, vérification du sexe. Les premiers animaux ont d'abord été typés avec les puces 50k ou HD. Lorsque l'effectif s'est révélé suffisant, les suivants ont été typés avec la puce LD et leurs typages 50K imputés.

Tableau 1 : CD moyens (maximaux) des mâles de moins de 24 mois au traitement de mars 2016

Race	Nombre	Lait	Cellules	Morphologie	Fertilité vache
Abondance	56	54,1 (59)	50,5 (54)	50,7 (54)	39,5 (45)
Tarentaise	95	52,3 (57)	47,6 (51)	48,7 (51)	34,4 (37)
Vosgienne	24	53,8 (56)	44,8 (48)	49,1 (52)	33,1 (37)

Chaque animal dispose donc de 43 801 SNP utilisés actuellement en indexation génomique.

1.2. EVALUATION GENOMIQUE

Le modèle d'évaluation génomique utilisé est celui des races nationales. Pour un caractère donné, il comprend des QTL (régions du génome avec un effet sur le caractère, identifiés au préalable par analyse Bayésienne) suivis par des haplotypes de 4 SNP, et une composante génomique résiduelle estimée avec 9000 SNP de la puce LD. Compte tenu de la taille des PR, pour bien estimer les effets des QTL, leur nombre est limité à 500 – 1000 dans les races régionales, contre jusqu'à 3000 dans les races nationales. Les index sont exprimés dans les mêmes unités, la même direction et la même base que les index polygéniques. Les CD sont calculés de manière approchée en combinant le CD polygénique avec le gain apporté par la génomique, estimé par validation croisée à l'échelle de la population.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. PRECISION DE L'IMPUTATION

L'imputation des génotypes (LD vers 50K) présente un taux de concordance de 99.6% dans chaque race. Proposée dès décembre 2015, la puce LD est maintenant utilisée en routine pour génotyper les animaux des races régionales.

2.2. PRECISION DE L'EVALUATION GENOMIQUE

Pour les mâles testés, les corrélations entre les index polygéniques et génomiques au traitement de mars 2016 varient de 0,80 à 0,99 selon la race et le caractère.

Le CD moyen des mâles de moins de 2 ans varie de 33,1 à 54,1% (Tableau 1). Comme attendu, les CD les plus forts sont obtenus pour les caractères les plus héréditaires. Par ailleurs, le CD est généralement d'autant plus élevé que la PR est grande. Toutefois, la race VOS a des CD moyens légèrement plus élevés que la race TAR pour le lait et la morphologie. Ce résultat provient de CD des parents plus élevés pour ces caractères en race VOS qu'en race TAR.

Compte tenu des résultats du Tableau 1 et des seuils de CD requis (50% pour la production et la morphologie, 35 pour les caractères fonctionnels), la majorité des animaux typés, sans phénotypes mais avec des parents évalués et leur père typé peuvent voir leurs index génomiques publiés pour l'ensemble des caractères évalués.

CONCLUSION

L'évaluation génomique a été officialisée dans 3 races régionales ABO, TAR et VOS en mars 2016. Il s'agit d'une première mondiale pour des races de cette taille, qui disposent maintenant des outils les plus modernes pour leur sélection. Les CD sont encore modestes, on encourage donc la politique de génotypage pour accroître la taille des PR et améliorer la précision des index génomiques.

Ces travaux ont été réalisés dans le cadre de l'UMT 3G avec le soutien financier de l'ANR et d'APIS-GENE à travers les programmes GEMBAL et G2R.